

# 内蒙古贝加尔针茅草原不同利用方式 土壤微生物功能多样性\*

张海芳<sup>1,2</sup> 李 刚<sup>1</sup> 宋晓龙<sup>1</sup> 刘红梅<sup>1</sup> 张静妮<sup>1</sup> 杨殿林<sup>1\*\*</sup> 赵树兰<sup>2</sup> 多立安<sup>2</sup>

(<sup>1</sup>农业部环境保护科研监测所, 天津 300191; <sup>2</sup>天津师范大学生命科学学院, 天津 300387)

**摘 要** 基于 Biolog-ECO 技术, 研究了贝加尔针茅草原在自由放牧、刈割和围封 3 种不同利用方式下土壤微生物群落功能多样性变化。结果表明: 不同的利用方式能显著改变土壤微生物群落代谢活性, 反映微生物活性的平均颜色变化率表现为围封>自由放牧>刈割, 围封时土壤微生物群落代谢活性最高; 不同的利用方式改变了土壤微生物群落多样性指数, 自由放牧土壤微生物群落丰富度指数、均匀度指数和优势度指数均最高, 围封次之, 刈割最低。主成分分析结果表明: 在自由放牧和刈割 2 种利用方式下土壤微生物群落碳源利用模式及代谢功能相似, 而围封土壤微生物群落具有不同的碳源利用模式和代谢功能; 糖类、氨基酸类和代谢中间产物及次生代谢物为土壤微生物利用的主要碳源。不同的利用方式改变了贝加尔针茅草原土壤微生物群落功能多样性。

**关键词** 针茅草原; 土壤微生物群落; Biolog-ECO.

**中图分类号** S154.36 **文献标识码** A **文章编号** 1000-4890(2012)5-1143-07

**Functional diversity of soil microbial communities in *Stipa baicalensis* steppe in Inner Mongolia as affected by different land use patterns.** ZHANG Hai-fang<sup>1,2</sup>, LI Gang<sup>1</sup>, SONG Xiao-long<sup>1</sup>, LIU Hong-mei<sup>1</sup>, ZHANG Jing-ni<sup>1</sup>, YANG Dian-lin<sup>1\*\*</sup>, ZHAO Shu-lan<sup>2</sup>, DUO Li-an<sup>2</sup> (<sup>1</sup>Agro-Environmental Protection Institute, Ministry of Agriculture, Tianjin 300191, China; <sup>2</sup>College of Life Science, Tianjin Normal University, Tianjin 300387, China). *Chinese Journal of Ecology*, 2012, **31**(5): 1143–1149.

**Abstract:** By using Biolog-ECO technique, this paper studied the variations of the functional diversity of soil microbial communities in *Stipa baicalensis* steppe under effects of different land use patterns (grazing, mowing, and fencing). Different land use patterns changed the metabolic activities of the soil microbial communities significantly. The average well color development which directly reflected the microbial activities changed in the order of fencing > grazing > mowing. Under the effects of the land use patterns, the diversity indices of the microbial communities varied. The richness index ( $H$ ), evenness index ( $E$ ), and dominance index ( $D$ ) were the highest under grazing, followed by under fencing and mowing. The principal component analysis (PCA) showed that the carbon source utilization mode and metabolic function of the microbial communities were similar under grazing and mowing, but differed from those under fencing. Carbohydrates, amino acids, intermediate metabolites, and secondary metabolites were the main carbon sources utilized by the microbial communities. This study showed that different land use patterns changed the functional diversity of the soil microbial communities in the *Stipa baicalensis* steppe in Inner Mongolia.

**Key words:** *Stipa baicalensis* steppe; soil microbial community; Biolog-ECO.

\* 国家自然科学基金项目(31170435 和 31000242)资助。

\*\* 通讯作者 E-mail: dlyang@caas.net.cn

收稿日期: 2011-09-28 接受日期: 2012-01-18

贝加尔针茅(*Stipa baicalensis*)草原是亚洲中部草原区所特有的草原群系,是草甸草原的代表类型之一,主要分布于松辽平原、蒙古高原东部的森林草原地带(中国科学院内蒙古宁夏综合考察队,1985),在中国畜牧业生产中占有重要地位。但近年来,由于长期不合理的利用,已发生了不同程度的退化(杨殿林等,2006)。草原的保护建设势在必行,加强草原保护建设,合理利用草原资源,对中国经济社会的可持续发展具有重要的意义。

土壤微生物是土壤生态系统的重要组成部分(Pankhurst *et al.*, 1996),在维持土壤功能方面至关重要,参与了土壤结构的形成、有机质的转化、有毒物质的降解以及C、N、P、S的循环等重要过程(申卫收等,2008)。研究表明,土壤微生物参与了约90%的土壤反应过程(Coleman & Crossley, 1996)。土壤微生物群落功能多样性反映了土壤微生物群落的生态特征(时鹏等,2010)。近年来,土壤微生物的研究已成为生态研究的热点之一(何寻阳等,2009)。García-Palacios等(2011)研究了退化草原恢复过程中植被多样性与土壤微生物功能多样性变化的相关性。Marshall等(2011)研究了土壤微生物对植被功能性群落组成变化的响应。不同利用方式下植物群落结构不同(程积民和邹厚远,1998),会引起土壤理化性质发生改变,进而改变土壤微生物群落(Loranger-Merciris *et al.*, 2006)。植物对土壤环境的重要影响之一是改变土壤微生物群落特征(O'Donnell *et al.*, 2001),不同的植物种类对土壤微生物群落的影响不同(Buenemann *et al.*, 2004)。李忠佩等(2007)研究表明,不同土地利用方式下土壤生物化学性状有显著不同。Denef等(2009)研究表明,草地利用、管理和环境条件的变化能显著改变土壤微生物群落组成和活性。

目前,国内外对于草原的研究更多的关注其地上部分特征及土壤理化性质(Kahmen & Poschlod, 2008;贾乐等,2011),针对贝加尔针茅草原的研究主要集中于植物群落变化、土壤理化特性(杨殿林等,2006;范国艳等,2010),以及草原的合理利用及保护建设(贾幼陵,2011)。本试验以内蒙古贝加尔针茅草原为研究对象,采用Biolog-Eco技术研究了贝加尔针茅草原在自由放牧、刈割和围封3种不同的利用方式下土壤微生物群落功能多样性变化,以探明科学合理的草原利用方式,为贝加尔针茅草原的合理利用及保护建设提供科学依据和技术支撑。

## 1 研究地区与研究方法

### 1.1 研究区域概况

研究区域(48°27'N—48°35'N, 119°35'E—119°41'E)位于内蒙古呼伦贝尔市鄂温克旗境内,海拔高度760~770 m。年均气温-1.6℃,年均降水量328.7 mm,年蒸发量1478.8 mm,≥0℃年积温2567.5℃,年均风速4 m·s<sup>-1</sup>,其中年≥8 m风速日数107.5 d,年大风日数24.4 d,无霜期113 d。土壤为暗栗钙土。植被类型为贝加尔针茅(*Stipa baicalensis*)和羊草(*Leymus chinensis*)。常见种有羽茅(*Achnatherum sibiricum*)、变蒿(*Artemisia commutata*)、日荫菅(*Carex pediformis*)、扁蓿豆(*Pocockia ruthenica*)、草地麻花头(*Serratula yamatsutanna*)、祁州漏芦(*Rhaponticum uniflorum*)、多茎野豌豆(*Vicia multicaulis*)、寸草苔(*Carex duriuscula*)和肾叶唐松草(*Thalictrum petaloideum*)等。

### 1.2 试验设计

试验地设在贝加尔针茅草原典型地带,分别选择地势平坦、开阔的区域,将围栏草地、刈割草地及围栏外自由放牧草地设置为监测样地。围封样地于2005年设立围栏区,围栏样地面积约10 hm<sup>2</sup>,围栏内禁牧,围栏外自由放牧,放牧家畜为呼伦贝尔肉用羊,放牧压力为中度放牧,即4.5只羊·hm<sup>-2</sup>,全年放牧。刈割样地采用1年刈割1次的刈割方式。

### 1.3 土壤样品采集

于2010年8月1日,采用S型取样法在每个样地进行土壤样品的采集,采样深度为0~20 cm,每个样地取3个重复,每个重复各取20个点,将每个点所取土样混匀,除去石块和动植物残体等杂物,采用“四分法”选取1 kg土样装入无菌袋内,置于冰盒中带回实验室。将土样分为2份,1份土样风干备用,1份放入-20℃冰箱中保存供微生物实验用。

### 1.4 Biolog测定

测定基于Garland和Mills(1991)的方法,并稍有变动。具体步骤如下:称取10 g鲜土(称前测含水量),在超净工作台将土样加入盛有90 mL 0.85%无菌NaCl溶液的三角瓶中,用封口膜将瓶口封好,以250 r·min<sup>-1</sup>的速度震荡30 min。取出静置10 min后取5 mL上清液加入45 mL 0.85%的无菌NaCl溶液,重复以上过程,将溶液最终浓度稀释至10<sup>-3</sup>。最后用电子移液器将上述稀释液加入到Biolog-ECO微平板(BIOLOG, Hayward, USA)中,每孔

150 μL。将接种好的 Biolog-ECO 微平板置于恒温培养箱中 28 ℃ 条件下培养,分别于 24、48、72、96、120、144、168 h 在 Biolog 微孔板读数仪 ( BIOLOG Inc. ,USA)上读数。

1.5 土壤理化性质分析

土壤有机质含量采用重铬酸钾容量法测定,全氮测定采用半微量开氏法,硝态氮采用紫外分光光度法测定,铵态氮采用 KCl 浸提-靛酚蓝比色法测定,全磷采用硫酸-高氯酸消煮法测定,速效磷采用碳酸氢钠法测定(鲍士旦,2000)。

1.6 数据分析

利用平均颜色变化率(AWCD)来反映可培养细菌的活性。单孔平均颜色变化率的计算采用 Garland 和 Mills(1991)的方法,计算公式为:

$$AWCD = \sum (C_{590} - C_{750}) / 31$$

式中,C 为每个有培养基孔的吸光值,31 为 Biolog-ECO 微平板上供试碳源的种类数,ECO 板的碳源种类数为 31,C<sub>590</sub>、C<sub>750</sub>是指 590、750 nm 的吸光值。

采用 Biolog-ECO 微平板培养 96 h 的数据进行统计分析,用 Shannon 丰富度指数、Shannon 均匀度指数和 Simpson 指数来表征土壤微生物群落代谢功能多样性(Schutter & Dick,2001)。采用 Biolog-ECO 微平板孔中吸光值来计算土壤微生物群落功能多样性指数(Magurran,1988;Harch *et al.* ,1997),计算公式分别为:

$$\text{Shannon 丰富度指数 } H: H = - \sum P_i \ln P_i$$

式中,P<sub>i</sub>为第 i 孔的相对吸光值与整个平板相对吸光值总和的比率。

$$\text{Shannon 均匀度指数 } E: E = H / H_{\max} = H / \ln S$$

式中,H 为 Shannon 丰富度指数,S 为有颜色变化孔的数目。

$$\text{Simpson 优势度指数 } D: D = 1 - \sum P_i^2$$

式中,P<sub>i</sub>为第 i 孔相对吸光值与整个平板相对吸光值总和的比率。

方差分析和主成分分析采用 SPSS 16.0 软件进

行。使用单因素方差分析(one-way ANOVA)检验各项特征指标的差异,用 Duncan 新复极差法分析其差异显著性(α=0.05)。

2 结果与分析

2.1 不同利用方式土壤化学性质变化

由表 1 可见,除速效磷之外,有机质、全氮、硝态氮、铵态氮和全磷在 3 种不同的利用方式下都达到了显著差异水平(P<0.05)。有机质、全氮、铵态氮和全磷含量在围封时最高,自由放牧次之,刈割时含量最低。硝态氮含量在自由放牧时最高,围封次之,刈割时最低。速效磷含量在自由放牧、刈割和围封条件下差异不显著。自由放牧、刈割和围封 3 种不同的利用方式能明显改变土壤养分含量,土壤化学性质差异显著(P<0.05)。

2.2 土壤微生物平均颜色变化率的动态特征

培养开始后,每隔 24 h 测定 AWCD 值,得到 AWCD 随时间的动态变化(图 1)。由图 1 可知,随着培养时间的延长,3 种不同利用方式土壤中微生物群落的 AWCD 值均呈增长趋势,其中,围封时土壤微生物群落 AWCD 值升高较快,自由放牧和刈割时土壤微生物群落 AWCD 值变化缓慢且趋势相近。这说明不同利用方式下土壤微生物群落碳源利用量随着时间的延长均逐渐增加,但围封时增加最快。培养 24 h 之前 AWCD 值均很小,24 h 之后随着培养时间的延长 AWCD 值快速增长,说明在 24 h 之前碳源基本未被利用,而 24 h 之后碳源被迅速利用。

随着培养时间的延长,不同利用方式下土壤微生物群落利用单一碳源能力的顺序为围封>自由放牧>刈割。围封时 AWCD 值最高,说明围封土壤微生物群落代谢最快,活性最强,自由放牧和刈割土壤微生物群落代谢相对较慢,活性较弱。

2.3 土壤微生物群落多样性指数变化

由表 2 可见,不同利用方式下贝加尔针茅草原土壤微生物群落的功能多样性指数不同,土壤微生物群落功能多样性发生了变化。自由放牧时的物种

表 1 不同利用方式土壤化学性质  
Table 1 Soil chemical characters under different use patterns

处理	有机质 (g · kg <sup>-1</sup> )	全氮 (g · kg <sup>-1</sup> )	硝态氮 (mg · kg <sup>-1</sup> )	铵态氮 (mg · kg <sup>-1</sup> )	全磷 (g · kg <sup>-1</sup> )	速效磷 (mg · kg <sup>-1</sup> )
自由放牧	26.44±0.75 b	1.67±0.03 b	5.93±0.39 a	6.41±0.15 b	0.32±0.003 b	2.08±0.13 a
刈割	20.25±0.43 c	1.39±0.01 c	1.56±0.21 c	5.14±0.05 c	0.22±0.002 c	2.52±0.39 a
围封	28.57±0.21 a	1.90±0.01 a	2.78±0.13 b	8.96±0.60 a	0.33±0.004 a	2.15±0.21 a

同列不同的字母表示差异显著(P<0.05)。下同。



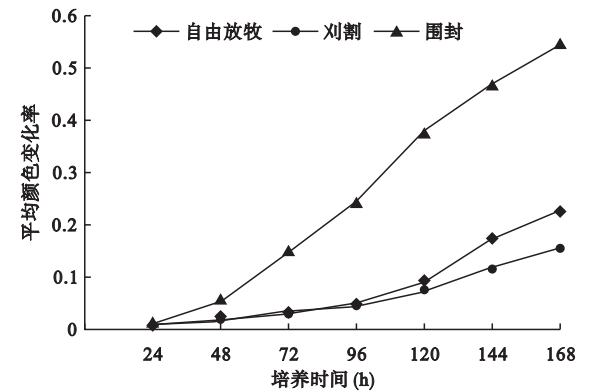


图1 土壤微生物群落AWCD 随时间的动态变化  
Fig.1 AWCD dynamics with incubation time

表2 土壤微生物群落多样性指数 Table 2 Diversity indices for soil microbial communities			
处理	丰富度指数	均匀度指数	优势度指数
自由放牧	2.43±0.11 a	2.86±0.12 a	0.87±0.02 a
刈割	2.08±0.24 a	0 c	0.72±0.07 a
围封	2.11±0.13 a	1.11±0.07 b	0.84±0.02 a

丰富度指数、均匀度指数和优势度指数均最高,围封次之,刈割最低。方差分析结果表明,3 种不同利用方式下土壤微生物群落丰富度指数和优势度指数差异不显著,均匀度指数差异显著。但自由放牧时多样性指数最高,说明适度放牧相对于围封和刈割来说有利于提高土壤微生物群落功能多样性。

2.4 主成分分析

2.4.1 不同碳源在主成分上的载荷值 Biolog-ECO 板上 31 种碳源在前 2 个主成分上的载荷值见表 3,载荷值越高,表示该种碳源对主成分的影响越大。以微生物群落对 3 大营养物质的代谢途径不同为基本划分原则,将 Biolog-ECO 板的 31 种碳源底物分为 4 大类:糖类及其衍生物、氨基酸类及其衍生物、脂肪酸和脂类、代谢中产物和次生代谢物(张燕燕等,2009)。其中,糖类 12 种,氨基酸类 6 种,脂类 5 种,代谢中产物及次生代谢物有 8 种。

由表 3 可见,影响第 1 主成分(PC1)的碳源主要有 13 种,其中糖类 5 种,氨基酸类 3 种,脂类 2 种,代谢中间产物和次生代谢物 3 种,表明影响第 1 主成分的碳源主要是糖类、氨基酸类和代谢中间产物及次生代谢物。影响第 2 主成分的碳源主要有 13 种,包括糖类 6 种,氨基酸类 3 种,脂类 2 种,代谢中间产物及次生代谢物 2 种,表明影响第 2 主成分的碳源主要是糖类和氨基酸类。由此说明,糖类、氨基酸类和代谢中间产物及次生代谢物是贝加尔针

表3 31 种碳源的主成分载荷值  
Table 3 Loading values of principal components of 31 sole-carbon sources

序号	碳源类型	PC1	PC2
A2	β-甲基-D-葡萄糖苷(糖类)	-0.506	0.751
A3	D-半乳糖酸 γ-内酯(糖类)	0.991	-0.008
A4	L-精氨酸(氨基酸类)	0.958	0.004
B1	丙酮酸甲酯(脂类)	0.994	-0.029
B2	D-木糖(糖类)	0.725	-0.096
B3	D-半乳糖醛酸(糖类)	-0.630	0.403
B4	L-天门冬酰胺(氨基酸类)	-0.285	0.651
C1	吐温 40(脂类)	0.956	-0.178
C2	i-赤藓糖醇(糖类)	-0.020	-0.904
C3	2-羟基苯甲酸(其他)	-0.474	-0.430
C4	L-苯丙氨酸(氨基酸类)	0.962	0.012
D1	吐温 80(脂类)	-0.017	0.852
D2	D-甘露醇(糖类)	-0.043	-0.455
D3	4-羟基苯甲酸(其他)	0.665	-0.277
D4	L-丝氨酸(氨基酸类)	0.716	0.629
E1	α-环式糊精(糖类)	-0.281	0.920
E2	N-乙酰-D 葡萄糖氨(糖类)	-0.298	0.631
E3	γ-羟丁酸(脂类)	0.396	0.581
E4	L-苏氨酸(氨基酸类)	-0.054	0.043
F1	肝糖(糖类)	-0.264	0.616
F2	D-葡萄糖胺(糖类)	0.881	-0.192
F3	衣康酸(脂类)	0.225	-0.141
F4	甘氨酸-L-谷氨酸(氨基酸类)	-0.284	-0.828
G1	D-纤维二糖(糖类)	-0.603	0.019
G2	1-磷酸葡萄糖(其他)	0.004	-0.391
G3	α-丁酮酸(其他)	-0.189	0.418
G4	苯乙胺(其他)	0.865	0.181
H1	α-D-乳糖(糖类)	-0.482	-0.679
H2	D,L-α-磷酸甘油(其他)	-0.473	0.802
H3	D-苹果酸(其他)	0.331	0.725
H4	腐胺(其他)	0.992	-0.018

茅草原土壤微生物利用的主要碳源。

2.4.2 不同利用方式主成分分析 主成分的提取原则是相对应特征值大于 1 的前 m 个主成分,据此原则,共提取了 7 个主成分,累积贡献率达到 97.7%。其中第 1 主成分(PC1)的贡献率为 24.9%,第二主成分(PC2)的贡献率为 20.3%,第 3~7 主成分的贡献率分别为 17.1%、16.504%、8.4%、5.7% 和 4.9%。选取前 2 个主成分进行分析,以 PC1 为横轴,PC2 为纵轴,以不同处理在 2 个主成分上的得分值为坐标作图,得到不同利用方式下土壤微生物碳源利用的主成分分析图(图 2)。

由图 2 可见,除了围封时有一点离散较大外,其余的点在 PC 轴上的分布可分为两大类。在 PC1 轴上,围封分布在正方向上,刈割和自由放牧分布在负

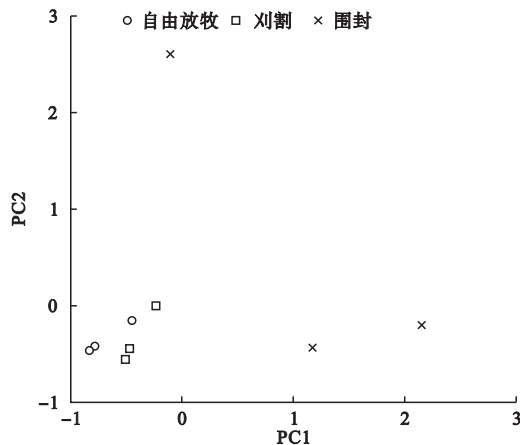


图2 不同处理土壤微生物碳源利用主成分分析  
Fig.2 Principal components analysis for carbon utilization of soil microbial communities in different treatments

方向上。在 PC2 轴上,围封离散较大的一点分布在正方向上,刈割和自由放牧分布在负方向上。3 种不同利用方式的分布差异表明,在自由放牧和刈割 2 种不同的利用方式下土壤微生物群落具有相似的碳源利用模式,土壤微生物群落代谢功能相似,而围封时土壤微生物群落碳源利用模式与其他处理不同,具有独特的碳源利用模式,土壤微生物群落代谢功能也不同。

### 3 讨论

Biolog 微平板分析技术由美国 BIOLOG 公司于 1989 年研发成功,1991 年,Garland 和 Mills 首次将该技术用于环境微生物群落变化研究,拓展了 Biolog 技术的应用领域。土壤微生物群落对 Biolog 微平板中各类碳源利用情况的差异反应了土壤中微生物群落代谢功能的不同(孔维栋等,2005)。Biolog-ECO 微平板中共有 31 种碳源,其中单孔颜色变化率反映了土壤微生物群落利用碳源的能力和代谢活性的大小,其值越高,表明土壤中微生物群落代谢活性也越高(Konopka *et al.*, 1998)。本研究表明,不同利用方式下贝加尔针茅草原土壤微生物群落对碳源的利用量及代谢活性不同,对碳源的利用能力也不同(图 1)。围封时土壤微生物群落代谢活性最高,自由放牧次之,刈割最低。分析原因认为,围封条件下植物多样性增加,植物根际会释放大量的碳源,高浓度的碳源可以促进土壤微生物群落代谢活性的提高(Rodriguez-Loinaz *et al.*, 2008)。放牧条件下,适度放牧促进了牧草生长发育和繁殖(程积民

和邹厚远,1998),增加了植物根际对土壤的碳源输入;同时,牛羊的排泄物也是土壤碳源输入的另一个主要来源。碳源输入增加,土壤微生物代谢活性也随之升高。刈割处理时,草地表层的凋落物减少,土壤表面裸露,阳光直射地表,地温升高,土壤变干,趋于旱化,干旱作为一种环境胁迫因子也可能影响微生物群落多样性和活性(Schimel, 1995)。3 种不同的利用方式下,土壤理化性质发生了变化, Pengthamkeerati 等(2011)研究表明,土壤物理性质的改变能导致土壤微生物境发生改变,从而影响土壤微生物的分布、活动及其多样性。Grayston 等(2004)研究也表明,不同草地类型之间微生物群落结构和活性的不同主要与所提供土壤的碳源的数量和质量的变化有关。因此,贝加尔针茅草原在 3 种不同的利用方式下土壤微生物群落代谢活性也不同。

对物种丰富度指数、均匀度指数和优势度指数的分析表明,内蒙古贝加尔针茅草原在不同的利用方式下土壤微生物群落的功能多样性指数不同,土壤微生物群落功能多样性发生了变化。自由放牧时的物种丰富度指数、均匀度指数和优势度指数均最高;围封次之;刈割最低。但 3 种不同利用方式下土壤微生物群落功能多样性指数差异不显著。高雪峰等(2010)研究表明,轻度和适度放牧有利于土壤中微生物数量、生物量的增加。Clegg (2006)研究表明,动物的粪便和尿液排入草地以后可以引起微生物群落的改变,可以提高土壤中细菌的数量,但对真菌和酵母菌数量没有影响(Williams *et al.*, 2000)。刈割后由于土壤变干,趋于旱化,干旱成为环境胁迫因子影响土壤微生物群落多样性和活性。土壤理化性质的改变导致微生物群落多样性也发生了变化。

主成分是通过协方差矩阵提取出来的,样本在主成分轴上的分布和微生物对碳源底物的利用能力相关(Konopka *et al.*, 1998)。主成分分析结果表明,贝加尔针茅草原在 3 种不同的利用方式下土壤微生物群落的碳源利用模式和利用能力不同,自由放牧和刈割 2 种不同的利用方式下土壤微生物群落具有相似的碳源利用模式,土壤微生物群落代谢功能相似,而围封时土壤微生物群落碳源利用模式及代谢功能与其他处理不同。自由放牧条件下土壤微生物群落主要利用第 1 主成分(PC1)碳源,碳源利用量及利用能力居中;刈割条件下土壤微生物群落对第

1、第2主成分碳源利用量相当且均很少,对碳源的利用能力较低;围封时土壤微生物对第1、第2主成分利用量均很高,碳源利用能力最强。分析原因认为,不同的利用方式导致植物群落结构发生了变化,而植物种类又影响了微生物多样性及土壤中的碳分配(Ladygina & Hedlund, 2010)。植被通过影响土壤环境,改变了土壤微生物群落(孟庆杰等, 2008)。糖类、氨基酸类和代谢中间产物及次生代谢物是微生物利用的主要碳源。

## 参考文献

- 鲍士旦. 2000. 土壤农化分析. 北京: 中国农业出版社.
- 程积民, 邹厚远. 1998. 封育刈割放牧对草地植被的影响. 水土保持研究, **5**(1): 36–54.
- 范国艳, 张静妮, 张永生, 等. 2010. 放牧对贝加尔针茅草原植被根系分布和土壤理化特征的影响. 生态学杂志, **29**(9): 1715–1721.
- 高雪峰, 武春燕, 韩国栋. 2010. 草原土壤微生物受放牧的影响及其季节变化. 微生物学通报, **37**(8): 1117–1122.
- 何寻阳, 王克林, 于一尊, 等. 2009. 岩溶区植被和季节对土壤微生物遗传多样性的影响. 生态学报, **29**(4): 1763–1769.
- 贾乐, 赵萌莉, 韩国栋, 等. 2011. 载畜率对荒漠草原植物群落影响的研究. 中国草地学报, **33**(4): 111–116.
- 贾幼陵. 2011. 草原退化原因分析和草原保护长效机制的建立. 中国草地学报, **33**(2): 1–6.
- 孔维栋, 刘可星, 廖宗文, 等. 2005. 不同腐熟程度有机物料对土壤微生物群落功能多样性的影响. 生态学报, **25**(9): 2291–2296.
- 李忠佩, 吴晓晨, 陈碧云. 2007. 不同利用方式下土壤有机碳转化及微生物群落功能多样性变化. 中国农业科学, **40**(8): 1712–1721.
- 孟庆杰, 许艳丽, 李春杰, 等. 2008. 不同植被覆盖对黑土微生物功能多样性的影响. 生态学杂志, **27**(7): 1134–1140.
- 申卫收, 林先贵, 张华勇, 等. 2008. 不同施肥处理下蔬菜塑料大棚土壤微生物活性及功能多样性. 生态学报, **28**(6): 2682–2689.
- 时鹏, 高强, 王淑平, 等. 2010. 玉米连作及其施肥对土壤微生物群落功能多样性的影响. 生态学报, **30**(22): 6173–6182.
- 杨殿林, 韩国栋, 胡跃高, 等. 2006. 放牧对贝加尔针茅草原群落植物多样性和生产力的影响. 生态学杂志, **25**(12): 1470–1475.
- 张燕燕, 曲来叶, 陈利顶. 2009. Biolog EcoPlate™实验信息提取方法改进. 微生物学通报, **36**(7): 1083–1091.
- 中国科学院内蒙古宁夏综合考察队. 1985. 内蒙古植被. 北京: 科学出版社.
- Bunemann EK, Bossio DA, Smithson PC, *et al.* 2004. Microbial community composition and substrate use in a highly weathered soil as affected by crop rotation and P fertilization. *Soil Biology and Biochemistry*, **36**: 889–901.
- Clegg CD. 2006. Impact of cattle grazing and inorganic fertiliser additions to managed grasslands on the microbial community composition of soils. *Applied Soil Ecology*, **31**: 73–82.
- Coleman DC, Crossley DA. 1996. Fundamentals of Soil Ecology. London: Academic Press.
- Denef K, Roobroeck D, Lootens P, *et al.* 2009. Microbial community composition and rhizodeposit-carbon assimilation in differently managed temperate grassland soils. *Soil Biology and Biochemistry*, **41**: 144–153.
- García-Palacios P, Bowker MA, Chapman SJ, *et al.* 2011. Early-successional vegetation changes after roadside prairie restoration modify processes related with soil functioning by changing microbial functional diversity. *Soil Biology and Biochemistry*, **43**: 1245–1253.
- Garland JL, Mills AL. 1991. Classification and characterization of heterotrophic microbial communities on the basis of patterns of community-level sole carbon source utilization. *Applied and Environmental Microbiology*, **57**: 2351–2359.
- Grayston SJ, Campbell CD, Bardgett RD, *et al.* 2004. Assessing shifts in microbial community structure across a range of grasslands of differing management intensity using CLPP, PLFA and community DNA techniques. *Applied Soil Ecology*, **25**: 63–84.
- Harch BD, Correll RL, Meech W, *et al.* 1997. Using the Gini coefficient with BIOLOG substrate utilization data to provide an alternative quantitative measure for comparing bacterial soil communities. *Journal of Microbiological Methods*, **30**: 91–101.
- Kahmen S, Poschold P. 2008. Effects of grassland management on plant functional trait composition. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, **128**: 137–145.
- Konopka A, Oliver L, Turco RF. 1998. The use of carbon substrate utilization patterns in environmental and ecological microbiology. *Microbial Ecology*, **35**: 103–115.
- Ladygina N, Hedlund K. 2010. Plant species influence microbial diversity and carbon allocation in the rhizosphere. *Soil Biology and Biochemistry*, **42**: 162–168.
- Loranger-Merciris G, Barthes L, Gastine A, *et al.* 2006. Rapid effects of plant species diversity and identity on soil microbial communities in experimental grassland ecosystems. *Soil Biology and Biochemistry*, **38**: 2336–2343.
- Magurran AE. 1988. Ecological diversity and its measurement. Princeton: Princeton University Press.

- Marshall CB, McLaren JR, Turkington R. 2011. Soil microbial communities resistant to changes in plant functional group composition. *Soil Biology and Biochemistry*, **43**: 78–85.
- O'Donnell AG, Seasman M, Macrae A, *et al.* 2001. Plants and fertilisers as drivers of change in microbial community structure and function in soils. *Plant and Soil*, **232**: 135–145.
- Pankhurst CE, Keller KO, Doube BM. 1996. Biodiversity of soil microbial communities in agricultural systems. *Biodiversity and Conservation*, **5**: 197–209.
- Pengthamkeerati P, Motavalli PP, Kremer RJ. 2011. Soil microbial activity and functional diversity changed by compaction, poultry litter and cropping in a claypan soil. *Applied Soil Ecology*, **48**: 71–80.
- Rodriguez-Loinaz G, Onaindia M, Amezcua I, *et al.* 2008. Relationship between vegetation diversity and soil functional diversity in native mixed-oak forests. *Soil Biology and Biochemistry*, **40**: 49–60.
- Schimel DS. 1995. Terrestrial ecosystems and the carbon cycle. *Global Change Biology*, **1**: 77–91.
- Schutter M, Dick R. 2001. Shifts in substrate utilization potential and structure of soil microbial communities in response to carbon substrates. *Soil Biology and Biochemistry*, **33**: 1481–1491.
- Williams BL, Grayston SJ, Reid EJ. 2000. Influence of synthetic sheep urine on the microbial biomass, activity and community structure in two pastures in the Scottish uplands. *Plant and Soil*, **225**: 175–185.
- 
- 作者简介** 张海芳,女,1984年生,硕士,主要从事土壤微生物多样性研究。E-mail: zhanghaifang1227@yahoo.com.cn
- 责任编辑** 魏中青
-